

Figure 1

```

gcttcctccc taggcgtgag actccggctc cttcact atg aga ctt cta gcc ctt 55
                               Met Arg Leu Leu Ala Leu
                               1           5

tcc ggt ctg ctc tgc atg ctg ctc ctc tgt ttc tgc att ttc tcc tca 103
Ser Gly Leu Leu Cys Met Leu Leu Leu Cys Phe Cys Ile Phe Ser Ser
      10           15           20

gaa ggg aga aga cat cct gcc aag tcc ttg aaa ctc agg cgc tgc tgt 151
Glu Gly Arg Arg His Pro Ala Lys Ser Leu Lys Leu Arg Arg Cys Cys
      25           30           35

cac cta tct cct aga tcc aag ctg aca acc tgg aaa gga aac cac aca 199
His Leu Ser Pro Arg Ser Lys Leu Thr Thr Trp Lys Gly Asn His Thr
      40           45           50

agg ccc tgc aga ctc tgc aga aac aag cta cca gtc aag tca tgg gtg 247
Arg Pro Cys Arg Leu Cys Arg Asn Lys Leu Pro Val Lys Ser Trp Val
      55           60           65           70

gtg cct ggg gct ctc cca cag ata tag ggctcctcc gccagatga 294
Val Pro Gly Ala Leu Pro Gln Ile
      75

agcgttgatg cccagatgtg gagacaccag aagcatacac actatgttgc cttgcccctt 354

gccaatgagc tgtgacactg gaatgcttca cttcagacat cagggcggat ggattgcaga 414

attccaagtc ctcattccaa aggtgtcacc aaccttcaga gtcactaagg tccagggtca 474

gccacaagt caccatggct cctccagagt aaaagtccaa gattccacct gtgggagcta 534

cagatccaga gactttcaag ctgactagag tgcagagaag caagacctca gtgtgatcag 594

ccgagactac agcatcttgg gaaccctcag tcagccccaa acccctaaca cttaaccact 654

ggtctccaaa ccaacacctg taacttcta atgaaatcat caggaggata ccaaaagaaa 714

taaaccataa atcagcatac aactaaaaa 744

```

Figure 2

ggaacgaggg	aaaatctgcc	ttctcacc	atg	agg	ctt	cta	gtc	ctt	tcc	agc	52
			Met	Arg	Leu	Leu	Val	Leu	Ser	Ser	
			1				5				
ctg	ctc	tgt	atc	ctg	ctt	ctc	tgc	ttc	tcc	atc	100
Leu	Leu	Cys	Ile	Leu	Leu	Leu	Cys	Phe	Ser	Ile	
	10			15				20			
aag	agg	cgt	cct	gcc	aag	gcc	tgg	tca	ggc	agg	148
Lys	Arg	Arg	Pro	Ala	Lys	Ala	Trp	Ser	Gly	Arg	
	25			30				35		40	
tgc	cac	cga	gtc	cct	agc	ccc	aac	tca	aca	aac	196
Cys	His	Arg	Val	Pro	Ser	Pro	Asn	Ser	Thr	Asn	
				45				50		55	
gtg	agg	ctc	tgt	aaa	cca	tgc	aag	ctt	gag	cca	244
Val	Arg	Leu	Cys	Lys	Pro	Cys	Lys	Leu	Glu	Pro	
			60					65		70	
gtg	gtg	cct	ggg	gca	ctc	cca	cag	gtg	tag	cactcccaaa	294
Val	Val	Pro	Gly	Ala	Leu	Pro	Gln	Val			
		75				80					
agacagcgga	gaacctcatg	cctggcacct	gaggtaccca	gcagcctcct	gtctcccctt	354					
tcagccttca	cagcagtga	ctgcaatgtt	ggagggcttc	atctcgggct	gcaaggaccc	414					
tgggaaagt	ccagaactcc	acgtccttgt	ctcaattgtg	ccatcaactt	tcagagctat	474					
catgagccaa	cctcacccca	cagggcctca	gtcgccacca	tgtgggcctc	tccagtgcaa	534					
accaccgagc	attccaccat	gaccggtcac	agctacaaat	ccagagacca	tcaatcctgc	594					
tagagtgcag	ggtggcaagc	acccaaggg	ggctgaccaa	gactgcagag	tctcctccat	654					
cttcaggtcc	attcagcctc	ctggcattta	actaccagca	tccagtgggc	cccaaggaat	714					
cccttcctag	cctcctgaca	tgagtctgct	ggaaagagca	tccaaacaaa	caagtaataa	774					
ataaataaat	aaactcaatg	cagacacaaa	aa			806					

Figure 3

1		50
rat Secs-1	MRLLTLSGLF FMLFLCLCVL SSEGKRPAK F...PKLRPR	CHLSPRSKPI
murine Secs-1	MRLLLALSGLL CMLLLCFCIF SSEGRRHPAK S...LKLRR	CHLSPRSKLT
human Secs-1	MRLVLSSLL CILLCFSIF STEGKRPAK AWSGRRTRLC	CHRVSPNST
51		81
rat Secs-1	TWKGNHTRPC RPCR.KLESN SWVVPGALPQ I	
murine Secs-1	TWKGNHTRPC RLCRNKLPVK SWVVPGALPQ I	
human Secs-1	NLKGHHVRLC KPCKLEPEPR LWVVPGALPQ V	

[illegible]

0
446 ATGAGGCTTCTAGTCCTTTCCAGCCTGCTCTGTATCCTTGCTTCTCTGCTTCTCCATCTTC
:
1 M R L L V L S S L L C I L L L C F S I F

60 . : . : . : . : . :
506 TCCACAGAAGGTAGGGCAGCCCCAGGGTGCAGATCCCTGAGCAGGATTTCAGCATCTGG
:
21 S T E

120 . : . : . : . : . :
566 GAAGACTCTGATCAGGATTTGTTGGAGGGCAGGCCTTGGNNNNNNNNNCGCGCGTACTT
:

180 . : . : . : . : . :
626 CCAGCCCCGTGGTGAAGACGAAAGAGGGCTCTTCTCCTGAACCTATAGGTTTGGGGCTC
:

240 . : . : . : . : . :
686 AGGACTGCCTGCAGGTGGCTTGGGGGTTCATTACAGCCCCTGCACCCCCAATACATA
:

300 . : . : . : . : . :
746 CCCAGCCTAAGTAAAGTGGTGTGTTGCCATGCAAACACACATAAACCTCTCAGCTAGA
:

360 . : . : . : . : . :
806 TTACTGTGCTTAAGTCCTACCTATCTAGAATTTCTGGAGCCATTCTCTTGTA CTGTGTC
:

420 . : . : . : . : . :
866 ATGCTTGGAACAGAGTAAATTAGTGTGGGCAAATGAATACATTAATTAGTAGACCATCT
:

480 . : . : . : . : . :
926 AAGTCTGAACATCCAAAACCTCATGCCAGAAAATATCCATGAGCAGCTGAAATGAAGG
:

540 . : . : . : . : . :
986 TGTGTGTGGTAGGGAGGTGGGGTATGTTTATGCATGTTTAGAAGGGGACACCATCTTTTT
:

600 . : . : . : . : . :
1046 ACCTCTATAGATATGAATATTTAGCTCTCTTGCCCTTTTTTCTTTTTTCTTTTTTTTTTT
:

660 . : . : . : . : . :
1106 TTTTTTGAGATGGAGTCTTGCTCTGTCACCCAGGCTGGAGTGCAGTGGCGCTATCTCAGC
:

720 . : . : . : . : . :
1166 TCACTGCAATCTCCGCTCCTGGGTTCAAGCAATTCTCTGCCTCAGCCTCCCAAGTAGCT

Figure 4B

```
780      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1226 GAGATTACAGGTGCCCACCACCAAGCCCAGCTAATTTTTGTATTTTGTAGTACAGACAGGT
-----

840      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1286 TTCACCATCTTGGCCAGGCTGGTCTTGAACCTCCTAACCTCGTAATCCTCCCACCTCGGCC
-----

900      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1346 TCCCAAAGTGCTGGGATTACAGGCGTGAGCCACCATGCCTGGCTGCCTTCTTGATTGAG
-----

960      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1406 ATAGCTGAGTGTTTCAATCCATTTTTCTCTTGTCTAACCTCTAGAACTGCCTACATTT
-----

1020     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1466 ATTTTTTGTTTTAGTGTTATGGTTACTCAAACTTTTGGGTGGGGGGAGCTGGAGCTATA
-----

1080     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1526 GAAATATATAAAGAGAAGAAAAACACTCAATTCCATGATTCAAGAGTAGCCATGTTCAAC
-----

1140     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1586 ATTTTGTTTATTTTCCTTGCATGTAGAATTTTAAAAAATTAATTGATGTACCTATATGTTT
-----

1200     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1646 AAGGTTATATCTTTTTTTATTTATCACTATATATATTGTTATAATCACCCAAAATGCTTAT
-----

1260     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1706 GATTGAAGATATTCTGGAAGCATTTACAACCCAGTGTGAGCAGCAGCCATCTCTGAGTAG
-----

1320     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1766 TGGGATTATAACAAGTGTTTGTTTTACAAAGTTTCTGCGATGAAAATGTCCCACATATAT
-----

1380     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1826 AATAAGGAAAACAGTGATTAGAATTCCCTCATAAACACAGCCCGTGACATGCAATTTATCA
-----

1440     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1886 GACCTCTATTTTTTGGACATGTTGGAGGTTGCCAGTGATACCCTAGTGACAATTAAATGAG
-----

1500     .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
1946 GATAGATACCTTCCCCCATAAAGTTTCCTATCCATTTAGGACTATCTGTAGCAAACCTCTT
-----
```

GenBank accession number: F01111.1 (Hepatitis A virus, strain HAV-1974, complete genome)

Figure 4C

1560 : :
2006 GAAGTAGCATTAACTCAACTAATATTTTCAGGTATAACTTGCTACAAGTGAACGTACTATG

1620 : :
2066 ATGAATTTACATGCTTAGACATTTAGATAGTTCACAATTGTGTGCTTTTCCTTTTTTGAA

1680 : :
2126 GCAAGATCTTGCTCTCTTGCCCAGGTCGGAGTGCAGTGGCATGACCACGGCTCAGTGCAG

1740 : :
2186 GCTTGACTTCCAGGGCTCAAGCAATACTCGCACCTCAGGTTTTCCAGTAGCTGGGAAAAC

1800 : :
2246 AGGTGCGCACCACAATGCCCTGCTAATTTTTTAAAAATTTTTTGCAGAGACGAGGTCTCTCT

1860 : :
2306 AAGTTGCCCAGGCTGGTCTTGAACCTCTGGACTCAAGCCATCCTCCCACCTTGGCCTCCC

1920 : :
2366 AGAGTGCTAGGATCACAGGCATGAGCCACCACACCTGGCCTACTTTGACACATTTTAATTA

1980 : :
2426 TGTGGTAAAAGGTATATATGTACATAAAGTATGTCCTTTATTCAGGCTTTTTTCTTTTT

2040 : :
2486 TTCTTTTTTTTTATTTTTTTTGAGACGAAGTTTTTGTCTCTTGTGTCCAGGCTGGAGTGTA

2100 : :
2546 TGGCATGCTCTTGGCTCACCACAACCTCCGCCTCCCGGGTTCAAGTGATTCTCCTGCCTC

2160 : :
2606 AACCTCCTGAGTAGCTGGGATTACAGGCATGCACCAACATGCCAGGCTGATTTTGTATTT

2220 : :
2666 TTAGTAGAGATGGGGTTTCTCCATGTTGGTCAGGCTGGTCTCGAACACTCGACCTCAAGT

2280 : :
2726 GATCCGCCCACCTCAGCCTCCCAAAGAGCTAGGATTACAGGCATGAGCCACCACCCAG

Figure 4D

```
2340 . . . . . : . . . . . :
2786 CTCAGGGCTTATTTTCTTAGGCTAGATTGCCAAGGGGAGAATTATTATGTCAAAGAAACT
-----

2400 . . . . . : . . . . . :
2846 ACTTATTGGACAGGAATCTGAAAAGGATGTGTTTTGGGGCCATGTGTCTCCCAACATTGT
-----

2460 . . . . . : . . . . . :
2906 TATTTCTGAAAAGTAAATCACAACAAGGCCCACTCTTTCCCTAGGACCTCTCGTAGCCTG
-----

2520 . . . . . : . . . . . :
2966 GCTCATCCTGAGTTTCTCTGGATAAAATATTCCTGAGCCCTGTGCCCTTGGAAGGGGAAGCT
-----

2580 . . . . . : . . . . . :
3026 CACTCACAGACAAGCCCCTAAAGACAGTCTCTCTTCCTTTGTGTCCACCCTCAGGGAAG
-----
                                     . . . . .
25                                     G K

2640 . . . . . : . . . . . :
3086 AGGCGTCCTGCCAAGGCCTGGTCAGGCAGGAGAACCAGGCTCTGCTGCCACCGAGTCCCT
      : . . . . . : . . . . . :
26 R R P A K A W S G R R T R L C C H R V P

2700 . . . . . : . . . . . :
3146 AGCCCCAACTCAACAAACCTGAAAGGTAAGTACCCCCACCTCGTCCAGACTGTGGGGCAG
      : . . . . . : . . . . . :
46 S P N S T N L K

2760 . . . . . : . . . . . :
3206 AAGTTCTACAGTGGCCATGGGACCAGCCACACACACTGATCAGCCCCCACCCTATGGCTGG
-----

2820 . . . . . : . . . . . :
3266 CATCAGGCTCTGGCTGGGAGGACATCTTTGTTTTGTTGATTAAATTGTTGACTCCCCCCC
-----

2880 . . . . . : . . . . . :
3326 AAAAGTCAACAAATTAATCATTTTAAACTGAATACATTCTGCCATGGAAAAAAGCAGGA
-----

2940 . . . . . : . . . . . :
3386 TGCAATTAGCAGATGTTGTGTGGAAACACACTTACTTTAGGTGGAAGGTGTCTGAGCAGG
-----

3000 . . . . . : . . . . . :
3446 TGACATTTATGAGACCTGGCTCATTATGAGCCAGGAGCCTGGCTGAGGCCTGTGGAGGT
-----
```

Figure 4E

3060 . : . : . : . : . : . :
3506 GGGGCATGCAGGCAGAGGAGGCAGCAAGGGTGAAGGGCAAGAGTGGGGTATGGAAGACAG

3120 . : . : . : . : . : . :
3566 ATGGTAGCAGGGCTTGAGAGGTACTCCCAGAAGCTAAGGACCAAAGCTGCCTGTGAACCC

3180 . : . : . : . : . : . :
3626 TGTGGACCTGGGGCACAGATCAGCATGCAGGTCACCAGCAGGGGAGTGGGCCCTGAGGGTC

3240 . : . : . : . : . : . :
3686 CAGAGAGCCATAGCTTGGCAGGAGATAAGGCAGCCCCAGAGATGCCAGCAGGCAGCATCC

3300 . : . : . : . : . : . :
3746 AGGCTGCATGACCAGAACGAGGCCCAGAAGAGCAAGGCTGCCCTCTCCCTGAGGCCTGGG

3360 . : . : . : . : . : . :
3806 GACACTGGGAGGCCTGTGGCGGACAGGCCCAAGCTCAGGAGGGCTGCGGGCACCCAGTTC

3420 . : . : . : . : . : . :
3866 CCTGCACAGGGGCTGCAGGCCCAGAGCAGATATTCACTGGAGTTGCCAGCCCAGGTGGA

3480 . : . : . : . : . : . :
3926 AGGGTCAGGCTGCTGGAGCTTGGGTAGGGCAGGCAGATCCCCAAGGGGAGACTGTGGACC

3540 . : . : . : . : . : . :
3986 CTGAGTCAGACAGCCTGACACCAACCTGGGGCTCCTGCCTGAACTCTGCAGCCCCAGTGC

3600 . : . : . : . : . : . :
4046 CCACTCTCAAGAGGCTGAGGAGGTCCCGGCCCCACTTGCTCCTCTGCGGCCATGGCCCAT

3660 . : . : . : . : . : . :
4106 GGGGTCCATGACCAGCGCCGGAGCCTCCATGCCCTTTCCCAGCTACCAAGGGGATGCTCAG

3720 . : . : . : . : . : . :
4166 CTGTGATGCAGGAGAGGGATAGAGGGAGGAAGCAAGACAGCATGACTCCAGCCGAGACC

3780 . : . : . : . : . : . :
4226 TTCTCCCGGAGATGCTGACAGCCCTTTCTTCCAAACTGGCATCACACCCAGCCGGCCAGG

[illegible]

```

3840      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4286  ATAAAAATAACCAGCTCGTCTTCACCACGGGCTGAAGGATCCCNNNNNNNNNNCACGAAA
-----
3900      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4346  AGCCCCTTCTGGGCCTCCAGGGAAAAGCATAAGATCTAATTCTTGCTTTGAAATTTTTTT
-----
3960      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4406  TTAAATGTGTTTGAAAATGCAACTTAATTGTGTTTTCTCTCTCTCCCCACAACCTGGCT
-----
4020      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4466  CTGACCTCGCCATCTTCCTGTCCTTGTCCTCTTGCTCTACTCATTGCTCCTCCCAGGACA
-----
55                                     . . : :
                                           G  H

4080      .      :      .      :      .      :      .      :      .      :
4526  TCATGTGAGGCTCTGTAAACCATGCAAGCTTGAGCCAGAGCCCCGCCTTTGGGTGGTGCC
: : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
56    H  V  R  L  C  K  P  C  K  L  E  P  E  P  R  L  W  V  V  P

4140      .      :      .
4586  TGGGGCACTCCCACAGGTG
: : : : : : : : : : : :
76    G  A  L  P  Q  V

```